

FIGURE 1

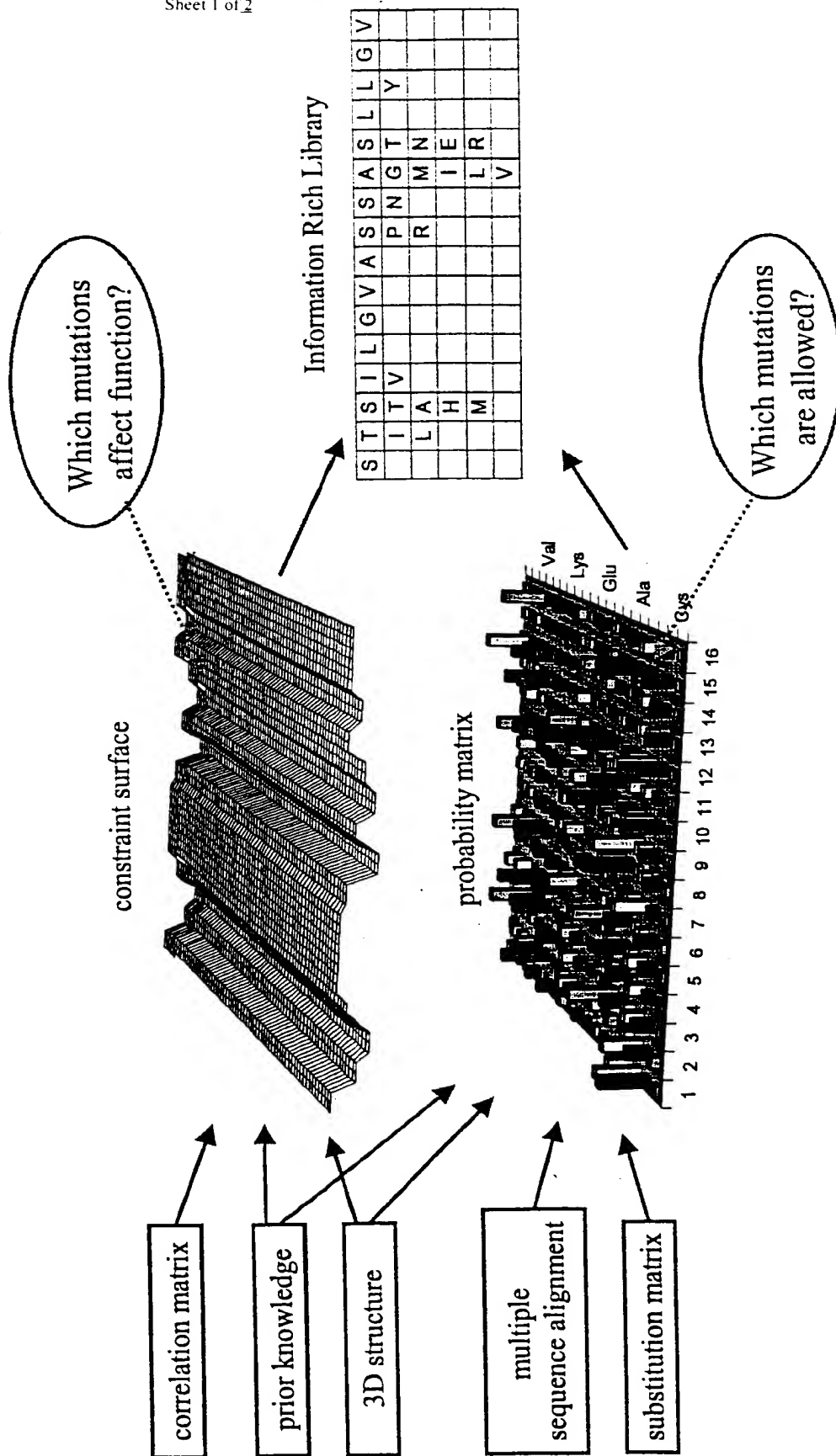


FIGURE 2

					Section 1
					1 10 20 30 40 52
BL A sobria CAA58581 1	(1)	--MKQTRALPLLA	LGTLLEAP---	LSLAAPVDPLKAVVD	DAIRPVLKQHRIP
BL E cloacae P05384	(1)	--MMRESLCCALLG---	ISCSALATPVSEKQLAEV	VANTITPLMKAQSVF	
BL E coli CAB38900 1	(1)	--MMKSLCCALLT---	ASFSTFAAAKTEQ	QIADIVNRTITPLMQEQAIP	
BL O anthroci CAC17822 1	(1)	MRSTTLIGFLTTAAV	IPNNGALAASKVNDG	DLRRIVDETVPRLMAEQKIP	
BL P aerocinosa S13408	(1)	MRDTRFPCLCGIAA	STLLPATTPAAGEAP	ADRLKALVDAAVQPV	MKANDIP
BL S enteriditis CAA78198 1	(1)	--MKKSLSATLISA---	LLAFSAFGFSAADN	VAAVVDSTIKPLMAQQDIP	
BL Y enterolitica P45480	(1)	--MMKSIINTLI	FTSIATFPPLYTLA	QTKLTQLQVATIVN	NTLTPLLEKQGIPI
Consensus	(1)	HKKSL LL		A E QLA IVD TI PLM Q IP	
					Section 2
					53 60 70 80 90 104
BL A sobria CAA58581 1	(48)	GMVAVLKGGQAHY	FNGLADVATGAKVNE	QTLFEIGSVSKTYT	ATLGAAYAV
BL E cloacae P05384	(47)	GMAVAVIYQGGK	PHYTFGKADIAANK	PVTPQTLFELGSIS	KTFVTGLVGGDAI
BL E coli CAB38900 1	(47)	GMAVAVIYQGGK	PHYTFGKADIAANN	HPVTQTLFELGSV	SKTFNGLVGGDAI
BL O anthroci CAC17822 1	(53)	GMVAITIDGKSH	FFGYGVASKESGQ	KVTEDTIFEIGSV	SKTFTAMLGQGYGL
BL P aerocinosa S13408	(53)	GLAVAILKGE	PHYFYSGLASKED	GRRVTPETLFEIG	SVSKTFTATLAGYAL
BL S enteriditis CAA78198 1	(48)	GMAVAVSVKGP	PHYFNYGADIQAK	QPVTEHTLFEIG	SVSKTFTGLVGA
BL Y enterolitica P45480	(52)	GMVAVVFYD	GKPFQFNYGMADI	KAGRPTVTEHTL	FEIGSVSKTFTGV
Consensus	(53)	GMVAVAV GKPHYF	YGLADI AG PVTE	QTLFEIGSVSKT	FTGLVGGYAI
					Section 3
					105 110 120 130 140 158
BL A sobria CAA58581 1	(100)	VKGGFKLDDQV	SGHAPWLKGS	AFDGGITMAELAT	YSAGGLPLQFPD
BL E cloacae P05384	(99)	ARGEISLDDAV	TRYWPGLTGKQW	QGIRMLDLATYT	TAGGLPLQVPD
BL E coli CAB38900 1	(99)	ARGEIKLSDF	VTKYWPELTGKQW	QGIRLLHLATYT	TAGGLPLQIPD
BL O anthroci CAC17822 1	(105)	ATGAFSLSD	PATKWAPELAG	SSFDKITMLDL	GTYPGGLPLQFP
BL P aerocinosa S13408	(105)	TQDKMRLDD	RASQHWPALQ	GSRFDGISLL	DLATYTAGGLPL
BL S enteriditis CAA78198 1	(98)	AKKEMALND	PAAKYQELALP	QWKGITLLDL	ATYTAGGLPLQ
BL Y enterolitica P45480	(104)	QTGIMNLND	PVTEYAPBELT	GTSGQWKDKML	HLATYTAGGLPL
Consensus	(105)	AKG M L D	VTKY PEL GSQW	GITMLDLATYT	TAGGLPLQVPDAV
					Section 4
					157 170 180 190 208
BL A sobria CAA58581 1	(151)	TMRAYYRHW	TPPYQAGTQRQ	YSNPSISGLFG	HLAASSLQQFP
BL E cloacae P05384	(150)	SLLRFYQNW	QWQKPGTTR	LYANASISGLF	FGALAVKPSG
BL E coli CAB38900 1	(150)	ALLHFYQNW	QWQKPGTTR	LYANASISGLF	FGELAVKPSG
BL O anthroci CAC17822 1	(156)	SMLAYFKN	WKPDYFAGT	QRRYSNPSIS	GLFGYLAARS
BL P aerocinosa S13408	(157)	QIRDYRQ	WQPTYPAGS	QRLYSNPSIS	GLFGYLAARS
BL S enteriditis CAA78198 1	(149)	DLLNFYQ	QWQKPGDM	RLYANASIS	GLFGALTANA
BL Y enterolitica P45480	(155)	SLWQYQ	QWQKPGW	MYRNYSNAS	ISGLFGALAV
Consensus	(157)	SLL YQNWQ	W PGT RLYS	NASISGLFG	LAASSGMPFE
					Section 5
					209 220 230 240 250 260
BL A sobria CAA58581 1	(203)	LGLEHTYLQ	VPEAAMARYA	FGYSKEDKPI	RVNPGMLADE
BL E cloacae P05384	(202)	LKLDHTWIN	VPKAEEAHY	AWGYRDG-K	AVRVSPGMLD
BL E coli CAB38900 1	(202)	LKLAHTWIT	VPQNEQKDY	AWGYREG-K	PVHVSPGQLD
BL O anthroci CAC17822 1	(208)	FGLKNTFIN	VPESQMKNYA	YGYSKANKPI	RVSGGALDA
BL P aerocinosa S13408	(209)	LGLQTHLD	VPEAALAQY	AAQGYGKDD	RPLRVGPG
BL S enteriditis CAA78198 1	(201)	LGLSHTFIT	VESAQSQY	AGYKKN-K	PVRVSPGQLD
BL Y enterolitica P45480	(207)	LKLDHTFIT	IPESMSQSN	YAWGYKDG-Q	PVRVTLGMLG
Consensus	(209)	LGLDHTFI	VPEA ANYAW	GYK G KPV	RVSPG LDAE
					Section 6
					261 270 280 290 300 312
BL A sobria CAA58581 1	(255)	FVKANIS---	GVDDK-ALQ	QAIALTHTG	FYRIGEMSQ
BL E cloacae P05384	(253)	WVMANMAP	ENVADA--	SLKQGIALA	QSRYWRIG
BL E coli CAB38900 1	(253)	WVQANMD	DASHVQEK--	TLQGGIALA	QSRYWRIG
BL O anthroci CAC17822 1	(260)	FVELNIDS--	SSLEL-D	FOKAVAAT	HGTGYHVG
BL P aerocinosa S13408	(261)	FVDANLHP--	ERLDR-P	WAQALDATH	RGYKVGDM
BL S enteriditis CAA78198 1	(252)	WAEHNNP	PSRAGNA--	DLENAMYL	AQTRYKTA
BL Y enterolitica P45480	(258)	FMQANMD	PESLPAGN	DKLKEAII	ASQSRYP
Consensus	(261)	FV ANMDP		L QAIALTQ	SRYRIGDM
					Section 7
					313 320 330 340 350 364
BL A sobria CAA58581 1	(303)	LLAGNSPAV	SLKANPVTK	FETPAAPG	ANRLYNK
BL E cloacae P05384	(303)	VVEGSDSK	VALAPL	PVAEVN	PAPPVKAS
BL E coli CAB38900 1	(303)	IINGSDSK	VALAPL	PVAEVN	PAPPVKAS
BL O anthroci CAC17822 1	(309)	LLAGNSSD	MALES	SHKIEK	FDTPRQPS
BL P aerocinosa S13408	(310)	LQAGNS	TPMALQ	PHRIARL	PAPQALEG
BL S enteriditis CAA78198 1	(302)	IINGVTNE	VALQPH	FPVTDN-Q	VQPPYN
BL Y enterolitica P45480	(310)	VIADSGN	DIALK	PKRVEAL	VPAQPAV
Consensus	(313)	LIAG SS	VAL P PV L P P	KASW	VHKTGST
					Section 8
					365 370 380 390 400
BL A sobria CAA58581 1	(355)	GIVMLANR	NYPIBARV	SAAHAIL	SQALP-----
BL E cloacae P05384	(355)	GIVMLANT	SYPNP	ARVEAA	YHILEALQ-----
BL E coli CAB38900 1	(355)	GIVMLANK	SYPNP	VRVEAA	WRILEKLQ-----
BL O anthroci CAC17822 1	(361)	GIVLLANR	NYPID	RIKAA	YRILQALDNKQ-----
BL P aerocinosa S13408	(362)	GLVILANR	NYPNAR	RVKIAY	AILSLGLEQ
BL S enteriditis CAA78198 1	(353)	AVIVILAN	KNYPN	TERVKA	AQAILSALE-----
BL Y enterolitica P45480	(362)	GIVMLANK	KNYPN	VRVQA	AYDILQALR-----
Consensus	(365)	GIVMLANK	KNYPN	RV AAY	IL AL

Table 1

residue number	backbone residue	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y
1	A	0.1027	0.0119	0.0633	0.0521	0.0232	0.079	0.0367	0.0196	0.089	0.0412	0.0101	0.0764	0.063	0.0356	0.0428	0.1053	0.0797	0.0347	0.0249	0.0139
2	Q	0.079	0.0055	0.1408	0.1131	0.0079	0.1013	0.0435	0.0154	0.0716	0.035	0.0083	0.0684	0.0502	0.0765	0.0402	0.0649	0.0428	0.0291	0.0015	0.007
3	S	0.1357	0.0129	0.0443	0.0445	0.018	0.0742	0.021	0.0273	0.0468	0.0546	0.0089	0.0378	0.168	0.0343	0.0236	0.0964	0.0903	0.0557	0.0017	0.0138
4	V	0.0766	0.0105	0.0342	0.0394	0.0596	0.0503	0.0298	0.0447	0.0889	0.1207	0.0202	0.0356	0.0399	0.035	0.0483	0.0611	0.0621	0.0864	0.0121	0.0488
5	P	0.0891	0.0086	0.0468	0.0681	0.0104	0.0557	0.0408	0.023	0.0744	0.0471	0.02	0.0374	0.1602	0.1011	0.0395	0.0695	0.0619	0.0428	0.0014	0.0103
6	W	0.0299	0.0058	0.017	0.0158	0.0392	0.0182	0.0164	0.0105	0.0314	0.037	0.0054	0.0193	0.0276	0.0135	0.0531	0.0407	0.0259	0.015	0.164	0.0621
7	G	0.0845	0.0105	0.0502	0.044	0.0458	0.228	0.0463	0.0154	0.0428	0.0382	0.0053	0.0441	0.0371	0.0283	0.0245	0.0668	0.0404	0.0341	0.003	0.1089
8	I	0.0539	0.0079	0.0164	0.0203	0.073	0.0263	0.0135	0.083	0.0299	0.315	0.0365	0.0173	0.0363	0.0202	0.0156	0.0325	0.0401	0.1074	0.0019	0.056
9	S	0.0873	0.0081	0.061	0.0632	0.0326	0.1097	0.0495	0.0235	0.0925	0.0692	0.0101	0.0532	0.0592	0.0521	0.0466	0.0709	0.0521	0.0391	0.0023	0.0218
10	R	0.084	0.021	0.0502	0.0496	0.0215	0.0837	0.0406	0.0269	0.1008	0.055	0.0177	0.0481	0.0433	0.0487	0.1123	0.0724	0.0544	0.044	0.0049	0.0221
11	V	0.0808	0.0113	0.0259	0.0306	0.034	0.0767	0.0126	0.1329	0.0416	0.1261	0.0199	0.0265	0.0322	0.0191	0.0257	0.0538	0.0729	0.1655	0.0014	0.0167
12	Q	0.088	0.0119	0.0682	0.0668	0.0228	0.0955	0.0427	0.0205	0.0894	0.0373	0.0082	0.0601	0.0424	0.0609	0.0544	0.0905	0.0632	0.0331	0.0035	0.0426
13	A	0.1268	0.0177	0.0389	0.04	0.042	0.0836	0.0174	0.0542	0.0451	0.0835	0.0167	0.0395	0.0388	0.0223	0.0201	0.0776	0.0874	0.125	0.0077	0.0208
14	P	0.0825	0.0084	0.0788	0.0698	0.0189	0.0692	0.0278	0.0326	0.0862	0.0712	0.0156	0.0523	0.0765	0.0496	0.043	0.0719	0.066	0.0517	0.0197	0.0136
15	A	0.0829	0.018	0.0472	0.0609	0.0542	0.0718	0.0303	0.0252	0.0739	0.0366	0.0092	0.0353	0.0593	0.0481	0.0568	0.0631	0.0481	0.0441	0.0221	0.1131
16	A	0.1291	0.0115	0.0391	0.0441	0.0234	0.0672	0.021	0.0577	0.051	0.1271	0.0177	0.0354	0.0437	0.0291	0.0299	0.0702	0.0659	0.1149	0.0018	0.0239
17	H	0.0286	0.0159	0.019	0.0201	0.0791	0.0274	0.0529	0.013	0.0251	0.0448	0.0042	0.0242	0.017	0.0253	0.0362	0.033	0.0182	0.0181	0.3259	0.1655
18	N	0.0958	0.0139	0.1085	0.097	0.01	0.0819	0.0294	0.0188	0.1015	0.0341	0.008	0.0592	0.0521	0.0528	0.0562	0.0742	0.06	0.0366	0.0024	0.0117
19	R	0.0826	0.0086	0.0556	0.0619	0.0262	0.0552	0.0323	0.032	0.1122	0.0837	0.0313	0.0402	0.0394	0.06	0.0784	0.066	0.0606	0.0547	0.0034	0.0189
20	G	0.108	0.0109	0.0559	0.0539	0.014	0.2357	0.019	0.0196	0.0633	0.0249	0.0063	0.0513	0.0532	0.0269	0.031	0.102	0.0716	0.038	0.0024	0.016
21	L	0.0606	0.0156	0.0197	0.0233	0.1225	0.0411	0.0225	0.059	0.041	0.099	0.0126	0.026	0.026	0.0237	0.0262	0.0446	0.0409	0.0844	0.0033	0.0444
22	T	0.1232	0.0117	0.0514	0.0475	0.0315	0.0969	0.0197	0.0268	0.083	0.0457	0.0102	0.0445	0.0448	0.03	0.0426	0.0984	0.1261	0.0511	0.0027	0.0209
23	G	0.1124	0.0063	0.046	0.0405	0.0114	0.4286	0.0103	0.0102	0.0349	0.0176	0.0036	0.0391	0.0345	0.0178	0.0156	0.0881	0.0447	0.0299	0.0013	0.0086
24	S	0.0882	0.01	0.0558	0.0655	0.0138	0.066	0.0335	0.0195	0.1622	0.0283	0.0102	0.0515	0.0425	0.0542	0.0528	0.0824	0.0668	0.0322	0.0099	0.0199
25	G	0.102	0.0058	0.0645	0.0496	0.01	0.3527	0.0197	0.0116	0.0556	0.019	0.0043	0.0588	0.0307	0.0244	0.0227	0.0858	0.0484	0.0285	0.0013	0.0063
26	V	0.0932	0.0139	0.0249	0.0302	0.0208	0.0468	0.0144	0.1192	0.0396	0.0964	0.0212	0.0249	0.0295	0.0273	0.0185	0.0563	0.0893	0.0275	0.0009	0.0108
27	K	0.0749	0.0525	0.0273	0.0278	0.0273	0.0495	0.0231	0.0642	0.0882	0.0718	0.0149	0.0333	0.0295	0.0239	0.0741	0.0635	0.0793	0.1394	0.0096	0.0359
28	V	0.104	0.0141	0.0211	0.026	0.0233	0.051	0.0106	0.1283	0.0312	0.1198	0.0211	0.0212	0.0303	0.0164	0.0159	0.0506	0.0649	0.2424	0.0009	0.0113
29	A	0.1555	0.0268	0.0338	0.0357	0.047	0.1271	0.0165	0.023	0.0361	0.0364	0.0072	0.0346	0.0453	0.019	0.0148	0.0915	0.0811	0.0533	0.0032	0.1121
30	V	0.0757	0.0138	0.0164	0.0212	0.0384	0.0374	0.0098	0.1522	0.0291	0.1328	0.0249	0.0175	0.0225	0.0144	0.0157	0.0367	0.0556	0.275	0.0009	0.0148
31	L	0.0594	0.0086	0.0147	0.0193	0.0533	0.0285	0.0109	0.1265	0.0313	0.2777	0.0377	0.0174	0.021	0.017	0.0161	0.0306	0.0432	0.1725	0.001	0.0171
32	D	0.0759	0.0036	0.2411	0.1604	0.0048	0.0814	0.0307	0.0126	0.0621	0.142	0.0035	0.091	0.0245	0.0503	0.0142	0.0621	0.0418	0.0205	0.0006	0.0061
33	T	0.1144	0.0128	0.0884	0.0694	0.0112	0.0734	0.0214	0.0274	0.0661	0.0297	0.0089	0.0581	0.0411	0.0348	0.0215	0.114	0.1589	0.0467	0.0019	0.0091
34	G	0.1139	0.0052	0.0447	0.0386	0.0099	0.4572	0.0093	0.0095	0.031	0.0171	0.0033	0.0389	0.0363	0.0166	0.0092	0.0849	0.0412	0.0298	0.0008	0.0042
35	I	0.0629	0.0458	0.0145	0.0194	0.0454	0.0293	0.0099	0.1607	0.0283	0.1721	0.0243	0.0165	0.02	0.0141	0.016	0.0332	0.0486	0.2149	0.0011	0.0279
36	S	0.0793	0.0064	0.1306	0.1238	0.018	0.0667	0.0332	0.0192	0.0693	0.0601	0.0111	0.0579	0.0313	0.0588	0.0353	0.0672	0.048	0.0125	0.0182	0.0182
37	T	0.0961	0.0116	0.0905	0.0759	0.0119	0.0811	0.0351	0.0203	0.0846	0.0431	0.0098	0.0736	0.0479	0.0375	0.0439	0.1036	0.0902	0.0351	0.0027	0.0101
38	H	0.0476	0.0098	0.0434	0.0408	0.019	0.0339	0.3067	0.162	0.0502	0.0455	0.0058	0.0695	0.0387	0.0837	0.0518	0.0447	0.0301	0.0319	0.0015	0.0245
39	P	0.1048	0.0224	0.0466	0.0594	0.009	0.0554	0.0263	0.021	0.0503	0.037	0.0068	0.037	0.2406	0.0448	0.0408	0.0802	0.0597	0.0489	0.0017	0.0105
40	D	0.0812	0.0053	0.1846	0.1562	0.0243	0.0885	0.0317	0.0143	0.0598	0.02	0.0044	0.0749	0.0289	0.0571	0.0191	0.0663	0.0431	0.0234	0.0013	0.0154

residue number	back bone residue	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y
86	A	0.1928	0.0253	0.0383	0.0437	0.0131	0.0976	0.0173	0.04	0.0403	0.0483	0.0106	0.035	0.0556	0.0252	0.0179	0.0991	0.0938	0.0987	0.0015	0.0099
87	E	0.0688	0.0088	0.0701	0.0703	0.009	0.0626	0.0432	0.162	0.1658	0.0261	0.0096	0.0616	0.037	0.0649	0.109	0.0793	0.058	0.0259	0.0103	0.0076
88	L	0.0551	0.0084	0.0127	0.0182	0.0401	0.0253	0.0098	0.1377	0.028	0.0301	0.032	0.0149	0.0201	0.0167	0.016	0.0278	0.042	0.0179	0.0067	0.0136
89	Y	0.0869	0.0108	0.025	0.0267	0.0709	0.1069	0.0259	0.0596	0.0324	0.143	0.0232	0.0279	0.0277	0.0208	0.0161	0.0515	0.0458	0.0981	0.0144	0.0871
90	A	0.1408	0.0112	0.041	0.0421	0.0229	0.2166	0.0138	0.0341	0.0376	0.0463	0.0097	0.0364	0.0749	0.0221	0.0164	0.0361	0.0619	0.0683	0.0017	0.0137
91	V	0.0739	0.015	0.016	0.0203	0.0602	0.0433	0.0123	0.1147	0.0276	0.1188	0.0259	0.0181	0.0217	0.0137	0.014	0.0361	0.0502	0.2368	0.002	0.0808
92	K	0.0427	0.0074	0.0344	0.0341	0.0079	0.0389	0.0359	0.0162	0.2636	0.0239	0.0125	0.042	0.0329	0.0454	0.2303	0.0579	0.0432	0.0225	0.0082	0.0044
93	V	0.0893	0.0126	0.02	0.0246	0.0249	0.0459	0.0118	0.0994	0.0235	0.3892	0.0564	0.0212	0.0272	0.0195	0.0187	0.0449	0.0565	0.2364	0.0009	0.0111
94	L	0.0484	0.0273	0.015	0.0184	0.1074	0.0451	0.0126	0.0483	0.0235	0.3892	0.0564	0.0212	0.0272	0.0195	0.0187	0.0449	0.0565	0.2364	0.0009	0.0111
95	G	0.0893	0.009	0.0232	0.0891	0.0141	0.1431	0.0277	0.175	0.0629	0.0267	0.0056	0.069	0.036	0.0398	0.0356	0.0863	0.0533	0.0329	0.003	0.0203
96	A	0.0971	0.042	0.0775	0.0719	0.0165	0.1056	0.033	0.0184	0.0861	0.0435	0.0081	0.0572	0.0554	0.0492	0.0498	0.0864	0.0568	0.0358	0.0026	0.0105
97	S	0.0941	0.0115	0.0798	0.0628	0.0357	0.164	0.0306	0.0186	0.0682	0.0274	0.0062	0.0728	0.0373	0.039	0.0272	0.1038	0.0625	0.0307	0.0028	0.0274
98	G	0.1032	0.0361	0.0525	0.0536	0.0167	0.3154	0.0166	0.0163	0.0443	0.0361	0.0072	0.0404	0.0438	0.0259	0.0173	0.0813	0.0466	0.0359	0.0013	0.012
99	S	0.1025	0.0146	0.0577	0.058	0.0417	0.1311	0.0229	0.0262	0.0636	0.0494	0.0133	0.046	0.0511	0.0363	0.0288	0.1112	0.0651	0.0455	0.0153	0.0233
100	G	0.1015	0.0322	0.0389	0.039	0.0191	0.2539	0.0124	0.0429	0.0392	0.0668	0.0163	0.0342	0.0316	0.0211	0.0197	0.0784	0.055	0.09	0.0015	0.0089
101	S	0.1062	0.016	0.0489	0.0485	0.0416	0.0731	0.023	0.0244	0.0636	0.0405	0.0089	0.0469	0.0366	0.0307	0.0236	0.0725	0.08	0.0583	0.0081	0.0585
102	V	0.0887	0.0103	0.0838	0.0641	0.0322	0.078	0.024	0.033	0.0548	0.0907	0.0251	0.0493	0.0366	0.0307	0.0236	0.0725	0.08	0.0583	0.0081	0.0585
103	S	0.1296	0.0165	0.0581	0.0627	0.0161	0.0895	0.0196	0.0326	0.0642	0.0554	0.0116	0.0467	0.0494	0.035	0.0309	0.1212	0.0846	0.0573	0.0091	0.0137
104	S	0.0891	0.0093	0.0895	0.0681	0.0158	0.1081	0.0198	0.053	0.0458	0.0617	0.0121	0.05	0.0294	0.0304	0.0205	0.0695	0.0565	0.0981	0.0664	0.0098
105	I	0.0699	0.01	0.0483	0.0749	0.0345	0.0426	0.0142	0.1278	0.0393	0.1167	0.0232	0.0274	0.0231	0.0319	0.018	0.0397	0.0498	0.169	0.0188	0.025
106	A	0.141	0.0112	0.0301	0.0346	0.0259	0.071	0.0143	0.0834	0.0409	0.1438	0.0181	0.0298	0.0419	0.0228	0.0205	0.0693	0.0697	0.1188	0.0013	0.0154
107	Q	0.125	0.016	0.0808	0.0824	0.0112	0.0815	0.0335	0.0184	0.0952	0.0357	0.0085	0.0559	0.0444	0.0655	0.0592	0.0885	0.0615	0.0368	0.0029	0.0123
108	G	0.1541	0.0111	0.0432	0.0411	0.0116	0.2955	0.012	0.0155	0.0384	0.0284	0.0073	0.0402	0.046	0.0199	0.0149	0.1082	0.0654	0.0407	0.0017	0.0068
109	L	0.0497	0.0082	0.0123	0.0168	0.1072	0.0262	0.0112	0.1252	0.037	0.2201	0.0518	0.0157	0.0182	0.0156	0.0209	0.0291	0.0397	0.1401	0.0141	0.0454
110	E	0.0804	0.014	0.0988	0.098	0.0171	0.1086	0.0309	0.0344	0.0784	0.0345	0.0094	0.0634	0.032	0.0524	0.0465	0.0735	0.0542	0.0475	0.0024	0.0252
111	W	0.0369	0.0085	0.0293	0.0291	0.1137	0.0234	0.0437	0.0241	0.0429	0.0342	0.0114	0.0261	0.0234	0.0256	0.045	0.0363	0.0252	0.0291	0.2235	0.1198
112	A	0.1607	0.0287	0.0453	0.046	0.0141	0.0974	0.0236	0.0374	0.0515	0.066	0.0156	0.0469	0.0483	0.0279	0.0294	0.0873	0.0735	0.0904	0.0017	0.0106
113	G	0.1274	0.0124	0.0278	0.0329	0.0278	0.0747	0.0159	0.076	0.0472	0.0906	0.0193	0.0281	0.0783	0.0255	0.0307	0.0727	0.0749	0.1185	0.0019	0.023
114	N	0.0898	0.0079	0.1008	0.0945	0.0096	0.0889	0.0465	0.0182	0.0868	0.0315	0.0074	0.0728	0.0386	0.077	0.0501	0.0803	0.0596	0.0308	0.0022	0.0091
115	N	0.081	0.0068	0.1106	0.0853	0.0121	0.0882	0.0637	0.0185	0.0805	0.0477	0.0074	0.0822	0.0371	0.0568	0.0356	0.0731	0.0491	0.0301	0.0245	0.0114
116	G	0.0798	0.0082	0.0484	0.0433	0.016	0.1798	0.0705	0.0184	0.0958	0.0362	0.0075	0.0552	0.0511	0.0421	0.0674	0.0718	0.048	0.0374	0.0029	0.0219
117	M	0.1101	0.0161	0.0305	0.0325	0.0321	0.0889	0.0166	0.0806	0.0866	0.0865	0.0337	0.0332	0.0492	0.024	0.0363	0.0625	0.0595	0.1291	0.0017	0.0127
118	H	0.0825	0.0141	0.1297	0.0962	0.0134	0.0707	0.0601	0.0215	0.0817	0.0318	0.0072	0.0656	0.0368	0.051	0.0597	0.0705	0.0493	0.0469	0.0026	0.01
119	V	0.0869	0.0136	0.0195	0.0254	0.0271	0.0415	0.0099	0.1578	0.0309	0.1215	0.0226	0.0193	0.0352	0.0157	0.0162	0.0408	0.0602	0.2584	0.0007	0.0119
120	N	0.0801	0.0142	0.0186	0.023	0.0686	0.0392	0.0193	0.1298	0.0303	0.1205	0.0194	0.0221	0.024	0.0159	0.0159	0.0409	0.0509	0.1378	0.0028	0.1277
121	A	0.0975	0.0212	0.0747	0.0516	0.0136	0.093	0.0395	0.021	0.084	0.0268	0.0069	0.1031	0.0433	0.0298	0.0306	0.1348	0.0829	0.0323	0.0032	0.0134
122	L	0.0851	0.0405	0.0279	0.0283	0.0365	0.0441	0.0149	0.0563	0.0644	0.1899	0.1067	0.0302	0.0281	0.023	0.023	0.05	0.0485	0.0845	0.0012	0.0169
123	S	0.127	0.0324	0.0423	0.0374	0.0141	0.1074	0.0181	0.0169	0.0617	0.023	0.0073	0.0555	0.0634	0.0226	0.0306	0.1909	0.1035	0.0342	0.0054	0.0104
124	L	0.0335	0.0039	0.009	0.0125	0.0542	0.0203	0.0125	0.0455	0.0217	0.321	0.0257	0.013	0.0158	0.0164	0.0263	0.0257	0.0222	0.0644	0.2266	0.0309
125	G	0.1119	0.0057	0.046	0.0392	0.0114	0.4475	0.0096	0.0106	0.0317	0.0179	0.0035	0.0395	0.0302	0.0165	0.0093	0.0857	0.0433	0.0322	0.001	0.0086
126	S	0.1107	0.0165	0.0423	0.0424	0.0158	0.2418	0.0167	0.0205	0.0408	0.0279	0.0055	0.0396	0.129	0.0261	0.0189	0.0966	0.059	0.0432	0.0017	0.0113
127	P	0.1071	0.0108	0.0669	0.0602	0.0227	0.1725	0.0231	0.0223	0.0539	0.0292	0.0064	0.0492	0.0931	0.0301	0.0277	0.0921	0.0687	0.0453	0.0022	0.0217
128	S	0.0907	0.0176	0.086	0.0693	0.0302	0.1111	0.0234	0.028	0.0696	0.048	0.0099	0.0517	0.0396	0.0352	0.0347	0.0831	0.0615	0.0474	0.003	0.0616
129	P	0.0957	0.0116	0.1026	0.0796	0.0226	0.1378	0.0307	0.0241	0.0533	0.0376	0.0083	0.0613	0.0541	0.0354	0.0207	0.0974	0.0593	0.0436	0.0082	0.0189
130	S	0.1101	0.0143	0.0576	0.0547	0.0159	0.1545	0.0302	0.0232	0.0597	0.0378	0.0116	0.0498	0.0537	0.0303	0.0422	0.1092	0.0715	0.0537	0.0033	0.0192

residue number	backbone residue	Profile																			
		A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y
266	A	0.1303	0.0103	0.0552	0.0584	0.0213	0.0944	0.0262	0.0218	0.1088	0.0428	0.0096	0.0515	0.0441	0.0364	0.067	0.0838	0.0682	0.0453	0.0033	0.0267
267	A	0.1519	0.0096	0.0393	0.0425	0.0358	0.0958	0.016	0.0374	0.0501	0.1056	0.0423	0.0316	0.0518	0.031	0.0211	0.0776	0.0674	0.0684	0.0141	0.0136
268	T	0.0949	0.0132	0.0325	0.0387	0.0307	0.0733	0.0151	0.0864	0.0413	0.108	0.0176	0.0274	0.03	0.0258	0.0179	0.0558	0.0622	0.1901	0.008	0.0341
269	R	0.0808	0.0077	0.0851	0.0863	0.0216	0.067	0.0414	0.0231	0.1114	0.0453	0.0133	0.0628	0.0418	0.066	0.0518	0.0715	0.0658	0.0437	0.0022	0.016

Table 2

GG36	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y
A	0.98	0.11	0.60	0.49	0.22	0.75	0.35	0.19	0.85	0.39	0.10	0.73	0.60	0.34	0.41	1.00	0.76	0.33	0.24	0.13
Q	0.56	0.04	1.00	0.80	0.06	0.72	0.31	0.11	0.51	0.25	0.06	0.49	0.36	0.54	0.29	0.46	0.30	0.21	0.01	0.05
S	0.81	0.08	0.26	0.26	0.11	0.44	0.13	0.16	0.28	0.33	0.05	0.23	1.00	0.20	0.14	0.57	0.54	0.33	0.01	0.08
V	0.63	0.09	0.28	0.33	0.49	0.42	0.25	0.37	0.74	1.00	0.17	0.29	0.33	0.29	0.40	0.51	0.51	0.72	0.10	0.40
P	0.56	0.05	0.29	0.43	0.06	0.35	0.25	0.14	0.46	0.29	0.12	0.23	1.00	0.63	0.25	0.43	0.39	0.27	0.01	0.06
W	0.06	0.01	0.03	0.03	0.08	0.04	0.03	0.02	0.06	0.07	0.01	0.04	0.05	0.03	0.10	0.08	0.05	0.03	1.00	0.12
G	0.37	0.05	0.22	0.19	0.20	1.00	0.20	0.07	0.19	0.17	0.02	0.19	0.16	0.12	0.11	0.29	0.18	0.15	0.01	0.48
I	0.17	0.03	0.05	0.06	0.23	0.08	0.04	0.26	0.09	1.00	0.12	0.05	0.12	0.06	0.05	0.10	0.13	0.34	0.01	0.18
S	0.80	0.07	0.56	0.58	0.30	1.00	0.45	0.21	0.84	0.63	0.09	0.48	0.54	0.47	0.42	0.65	0.47	0.36	0.02	0.20
R	0.75	0.19	0.45	0.44	0.19	0.75	0.36	0.24	0.90	0.49	0.16	0.43	0.39	0.43	1.00	0.64	0.48	0.39	0.04	0.20
V	0.49	0.07	0.16	0.18	0.21	0.46	0.08	0.80	0.25	0.76	0.12	0.16	0.19	0.12	0.16	0.33	0.44	1.00	0.01	0.10
Q	0.92	0.12	0.71	0.70	0.24	1.00	0.45	0.21	0.94	0.39	0.09	0.63	0.44	0.64	0.57	0.95	0.66	0.35	0.04	0.45
A	1.00	0.14	0.31	0.32	0.33	0.66	0.14	0.43	0.36	0.66	0.13	0.31	0.31	0.18	0.16	0.61	0.69	0.99	0.06	0.16
P	0.86	0.09	0.82	0.73	0.20	0.72	0.29	0.34	1.00	0.74	0.16	0.54	0.80	0.42	0.45	0.75	0.69	0.54	0.20	0.14
A	0.73	0.16	0.42	0.54	0.48	0.63	0.27	0.22	0.65	0.32	0.08	0.31	0.52	0.43	0.50	0.56	0.43	0.39	0.20	1.00
A	1.00	0.09	0.30	0.34	0.18	0.52	0.16	0.45	0.40	0.98	0.14	0.27	0.34	0.23	0.23	0.54	0.51	0.89	0.01	0.18
H	0.09	0.05	0.06	0.06	0.24	0.08	0.16	0.04	0.08	0.14	0.01	0.07	0.05	0.08	0.12	0.10	0.06	0.06	1.00	0.51
N	0.88	0.13	1.00	0.89	0.09	0.75	0.27	0.17	0.94	0.31	0.07	0.55	0.48	0.49	0.52	0.68	0.55	0.34	0.02	0.11
R	0.74	0.08	0.50	0.55	0.23	0.49	0.29	0.29	1.00	0.75	0.28	0.36	0.35	0.53	0.70	0.59	0.54	0.49	0.03	0.17
G	0.46	0.05	0.24	0.23	0.06	1.00	0.08	0.08	0.27	0.11	0.03	0.22	0.23	0.11	0.13	0.43	0.30	0.16	0.01	0.07
L	0.30	0.08	0.10	0.11	0.60	0.20	0.11	0.29	0.20	0.48	0.06	0.13	0.13	0.12	0.13	0.22	0.20	0.41	0.03	1.00
T	0.97	0.09	0.41	0.38	0.25	0.77	0.16	0.21	0.66	0.36	0.08	0.35	0.36	0.24	0.34	0.78	1.00	0.41	0.02	0.17
G	0.26	0.01	0.11	0.09	0.03	1.00	0.02	0.02	0.08	0.04	0.01	0.09	0.08	0.04	0.04	0.21	0.10	0.07	0.00	0.02
S	0.54	0.06	0.34	0.40	0.09	0.41	0.21	0.12	1.00	0.17	0.06	0.32	0.26	0.33	0.57	0.51	0.41	0.20	0.06	0.12
G	0.29	0.02	0.18	0.14	0.03	1.00	0.06	0.03	0.16	0.05	0.01	0.17	0.09	0.07	0.06	0.24	0.14	0.08	0.00	0.02
V	0.41	0.06	0.11	0.13	0.09	0.21	0.06	0.52	0.17	0.42	0.09	0.11	0.13	0.12	0.08	0.25	0.39	1.00	0.00	0.05
K	0.54	0.38	0.20	0.20	0.20	0.36	0.17	0.46	0.63	0.52	0.11	0.24	0.21	0.17	0.53	0.46	0.57	1.00	0.03	0.26
V	0.43	0.06	0.09	0.11	0.10	0.21	0.04	0.53	0.13	0.49	0.09	0.09	0.13	0.07	0.07	0.21	0.27	1.00	0.00	0.05
A	1.00	0.17	0.22	0.23	0.30	0.82	0.11	0.15	0.23	0.23	0.05	0.22	0.29	0.12	0.10	0.59	0.52	0.34	0.02	0.72
V	0.28	0.05	0.06	0.08	0.14	0.14	0.04	0.55	0.11	0.48	0.09	0.06	0.08	0.05	0.06	0.13	0.20	1.00	0.00	0.05

GG36	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y
L	0.21	0.03	0.05	0.07	0.19	0.10	0.04	0.46	0.11	1.00	0.14	0.06	0.08	0.06	0.06	0.11	0.16	0.62	0.00	0.06
D	0.31	0.01	1.00	0.67	0.02	0.34	0.13	0.05	0.26	0.06	0.01	0.38	0.10	0.21	0.06	0.26	0.17	0.09	0.00	0.03
T	0.72	0.08	0.56	0.44	0.07	0.46	0.13	0.17	0.42	0.19	0.06	0.37	0.26	0.22	0.14	0.72	1.00	0.29	0.01	0.06
G	0.25	0.01	0.10	0.08	0.02	1.00	0.02	0.02	0.07	0.04	0.01	0.09	0.08	0.04	0.02	0.19	0.09	0.07	0.00	0.01
I	0.29	0.21	0.07	0.09	0.21	0.14	0.05	0.75	0.13	0.80	0.11	0.08	0.09	0.07	0.07	0.15	0.23	1.00	0.01	0.13
S	0.61	0.05	1.00	0.95	0.14	0.51	0.25	0.15	0.53	0.46	0.08	0.52	0.24	0.45	0.27	0.51	0.37	0.25	0.20	0.14
T	0.93	0.11	0.87	0.73	0.11	0.78	0.34	0.20	0.82	0.42	0.09	0.71	0.46	0.36	0.42	1.00	0.87	0.34	0.03	0.10
H	0.16	0.03	0.14	0.13	0.06	0.11	1.00	0.05	0.16	0.15	0.02	0.22	0.13	0.27	0.17	0.15	0.10	0.10	0.00	0.08
P	0.44	0.09	0.19	0.25	0.04	0.23	0.11	0.09	0.24	0.15	0.03	0.15	1.00	0.19	0.17	0.33	0.25	0.20	0.01	0.04
D	0.44	0.03	1.00	0.86	0.13	0.48	0.17	0.08	0.32	0.11	0.02	0.41	0.16	0.31	0.10	0.36	0.23	0.13	0.01	0.08
L	0.10	0.01	0.02	0.04	0.56	0.05	0.05	0.19	0.06	1.00	0.09	0.04	0.05	0.05	0.04	0.06	0.07	0.21	0.03	0.16
N	0.37	0.16	0.51	0.39	0.12	0.35	0.29	0.16	0.96	0.19	0.06	0.38	0.23	0.30	1.00	0.41	0.28	0.25	0.04	0.06
I	0.98	0.10	0.28	0.35	0.21	0.52	0.14	0.59	0.34	0.64	0.12	0.25	0.72	0.23	0.18	0.55	0.49	1.00	0.01	0.12
R	0.83	0.10	0.48	0.57	0.30	0.77	0.19	0.63	0.87	0.81	0.14	0.37	0.37	0.33	0.46	0.63	0.56	1.00	0.03	0.27
G	0.62	0.04	0.30	0.29	0.15	1.00	0.12	0.10	0.32	0.30	0.06	0.22	0.20	0.21	0.15	0.40	0.31	0.22	0.20	0.16
G	0.53	0.14	0.19	0.18	0.09	1.00	0.07	0.14	0.22	0.22	0.04	0.18	0.20	0.09	0.12	0.48	0.28	0.23	0.12	0.12
A	0.34	0.11	0.14	0.14	0.58	0.19	0.19	0.19	0.47	0.24	0.05	0.17	0.15	0.13	0.36	0.27	0.25	0.26	0.19	1.00
S	0.64	0.11	1.00	0.68	0.23	0.59	0.25	0.14	0.51	0.22	0.05	0.61	0.26	0.27	0.17	0.67	0.54	0.25	0.06	0.19
F	0.27	0.09	0.09	0.09	1.00	0.16	0.09	0.22	0.12	0.44	0.06	0.11	0.10	0.07	0.08	0.18	0.18	0.33	0.02	0.46
V	0.91	0.11	0.44	0.38	0.24	0.65	0.28	0.47	0.51	0.56	0.11	0.53	0.43	0.26	0.23	0.76	0.71	1.00	0.24	0.20
P	0.68	0.06	0.72	0.56	0.11	1.00	0.17	0.14	0.42	0.22	0.04	0.40	0.34	0.23	0.20	0.59	0.44	0.27	0.01	0.11
G	0.52	0.26	0.46	0.37	0.09	1.00	0.27	0.11	0.47	0.16	0.05	0.45	0.25	0.22	0.21	0.51	0.34	0.21	0.01	0.14
E	0.70	0.05	1.00	0.88	0.09	1.00	0.24	0.17	0.50	0.22	0.05	0.51	0.25	0.43	0.19	0.58	0.51	0.26	0.01	0.12
P	0.81	0.14	0.65	0.61	0.26	1.00	0.40	0.20	0.52	0.40	0.08	0.50	0.83	0.36	0.28	0.71	0.49	0.34	0.07	0.23
S	0.77	0.09	1.00	0.72	0.40	0.82	0.26	0.27	0.48	0.44	0.07	0.57	0.27	0.31	0.19	0.69	0.55	0.45	0.15	0.45
T	0.53	0.06	0.23	0.22	0.17	0.32	0.11	0.15	0.26	0.27	0.04	0.17	1.00	0.16	0.12	0.37	0.30	0.26	0.01	0.24
Q	1.00	0.12	0.60	0.59	0.22	0.93	0.34	0.36	0.79	0.81	0.19	0.49	0.44	0.51	0.59	0.92	0.89	0.70	0.16	0.15
D	0.49	0.08	1.00	0.68	0.09	0.49	0.20	0.10	0.41	0.15	0.05	0.50	0.19	0.25	0.15	0.46	0.32	0.18	0.15	0.08
G	0.57	0.24	0.52	0.50	0.29	1.00	0.14	0.13	0.35	0.33	0.05	0.32	0.21	0.23	0.20	0.52	0.34	0.24	0.02	0.25
N	0.78	0.09	0.91	0.70	0.19	0.83	0.53	0.26	0.82	0.57	0.10	1.00	0.36	0.46	0.26	0.87	0.61	0.43	0.02	0.18
G	0.34	0.07	0.15	0.14	0.06	1.00	0.08	0.05	0.23	0.09	0.02	0.15	0.14	0.10	0.23	0.29	0.16	0.11	0.12	0.08
H	0.10	0.03	0.12	0.12	0.05	0.08	1.00	0.03	0.14	0.10	0.01	0.20	0.11	0.27	0.16	0.11	0.07	0.07	0.00	0.08
G	0.24	0.01	0.09	0.08	0.02	1.00	0.02	0.02	0.06	0.04	0.01	0.08	0.06	0.03	0.02	0.18	0.09	0.06	0.00	0.01
T	0.57	0.06	0.15	0.14	0.06	0.28	0.07	0.15	0.30	0.17	0.06	0.19	0.19	0.10	0.09	0.53	1.00	0.27	0.01	0.04
H	0.17	0.04	0.15	0.16	0.09	0.14	1.00	0.06	0.34	0.15	0.03	0.23	0.16	0.33	0.51	0.19	0.12	0.11	0.02	0.10

GG36	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y
V	0.29	1.00	0.06	0.07	0.05	0.15	0.04	0.33	0.09	0.30	0.07	0.06	0.09	0.05	0.05	0.20	0.22	0.90	0.00	0.06
A	1.00	0.16	0.18	0.20	0.05	0.49	0.06	0.11	0.17	0.14	0.03	0.16	0.28	0.10	0.07	0.47	0.39	0.26	0.01	0.04
G	0.27	0.02	0.10	0.09	0.02	1.00	0.02	0.02	0.08	0.04	0.01	0.09	0.08	0.04	0.02	0.21	0.11	0.07	0.00	0.01
T	0.74	0.08	0.41	0.58	0.12	0.41	0.13	0.50	0.41	0.44	0.10	0.29	0.28	0.28	0.15	0.62	1.00	0.66	0.01	0.07
I	0.48	0.06	0.10	0.13	0.14	0.22	0.05	0.74	0.16	0.59	0.12	0.10	0.15	0.08	0.08	0.23	0.29	1.00	0.00	0.06
A	1.00	0.09	0.21	0.22	0.06	0.94	0.07	0.12	0.19	0.20	0.04	0.18	0.29	0.11	0.08	0.52	0.40	0.31	0.01	0.04
A	0.86	0.05	0.19	0.20	0.05	1.00	0.06	0.09	0.18	0.15	0.06	0.17	0.24	0.11	0.07	0.47	0.34	0.23	0.01	0.04
L	0.78	0.14	0.38	0.40	0.20	0.57	0.25	0.40	1.00	0.93	0.15	0.42	0.31	0.34	0.50	0.63	0.64	0.77	0.02	0.13
N	0.68	0.06	0.82	0.62	0.13	1.00	0.37	0.14	0.63	0.24	0.08	0.78	0.39	0.30	0.18	0.66	0.45	0.25	0.01	0.10
N	0.66	0.07	0.86	0.60	0.16	0.67	0.40	0.18	0.73	0.38	0.06	1.00	0.26	0.30	0.20	0.76	0.57	0.30	0.08	0.26
S	0.55	0.05	0.33	0.28	0.08	1.00	0.15	0.08	0.29	0.12	0.03	0.32	0.24	0.14	0.14	0.53	0.37	0.16	0.01	0.05
I	0.70	0.11	0.34	0.36	0.66	0.57	0.22	0.69	0.58	0.75	0.13	0.33	0.33	0.24	0.39	0.54	0.62	1.00	0.03	0.55
G	0.33	0.87	0.14	0.13	0.04	1.00	0.05	0.05	0.16	0.08	0.02	0.12	0.11	0.07	0.07	0.31	0.16	0.12	0.00	0.04
V	0.66	0.08	0.18	0.19	0.21	0.90	0.11	0.49	0.28	0.54	0.17	0.19	0.21	0.14	0.16	0.45	0.49	1.00	0.01	0.23
L	0.67	0.12	0.25	0.28	0.48	0.42	0.23	0.48	0.38	0.87	0.12	0.25	0.23	0.21	0.27	0.44	0.44	1.00	0.03	0.97
G	0.25	0.01	0.10	0.08	0.02	1.00	0.02	0.02	0.07	0.04	0.01	0.08	0.07	0.03	0.02	0.18	0.09	0.06	0.00	0.01
V	0.31	0.05	0.06	0.08	0.11	0.18	0.04	0.46	0.11	0.51	0.11	0.07	0.09	0.06	0.06	0.15	0.21	1.00	0.00	0.05
A	1.00	0.06	0.20	0.22	0.06	0.50	0.07	0.12	0.19	0.25	0.05	0.17	0.28	0.11	0.09	0.46	0.38	0.29	0.01	0.04
P	0.39	0.07	0.11	0.13	0.45	0.19	0.14	0.09	0.46	0.19	0.04	0.15	1.00	0.15	0.33	0.33	0.23	0.15	0.03	0.63
S	0.54	0.05	0.61	0.49	0.10	1.00	0.26	0.11	0.90	0.19	0.05	0.55	0.22	0.27	0.39	0.56	0.36	0.18	0.02	0.07
A	1.00	0.13	0.20	0.23	0.07	0.51	0.09	0.21	0.21	0.25	0.05	0.18	0.29	0.13	0.09	0.51	0.49	0.51	0.01	0.05
E	0.41	0.05	0.42	0.42	0.05	0.38	0.26	0.10	1.00	0.16	0.06	0.37	0.22	0.39	0.66	0.48	0.35	0.16	0.06	0.05
L	0.18	0.03	0.04	0.06	0.13	0.08	0.03	0.45	0.09	1.00	0.10	0.05	0.07	0.05	0.05	0.09	0.14	0.57	0.02	0.04
Y	0.61	0.08	0.17	0.19	0.50	0.75	0.18	0.42	0.23	1.00	0.16	0.20	0.19	0.15	0.11	0.36	0.32	0.69	0.10	0.61
A	0.65	0.05	0.19	0.19	0.11	1.00	0.06	0.16	0.17	0.21	0.04	0.17	0.35	0.10	0.08	0.43	0.29	0.32	0.01	0.06
V	0.31	0.06	0.07	0.09	0.25	0.18	0.05	0.48	0.12	0.50	0.11	0.08	0.09	0.06	0.06	0.15	0.21	1.00	0.01	0.34
K	0.16	0.03	0.13	0.13	0.03	0.15	0.14	0.06	1.00	0.09	0.05	0.16	0.12	0.17	0.87	0.22	0.16	0.09	0.03	0.02
V	0.38	0.05	0.08	0.10	0.11	0.19	0.05	0.42	0.19	0.57	0.24	0.09	0.12	0.08	0.08	0.19	0.24	1.00	0.00	0.05
L	0.12	0.07	0.04	0.05	0.28	0.12	0.03	0.12	0.06	1.00	0.08	0.04	0.05	0.05	0.03	0.08	0.08	0.18	0.02	0.08
G	0.62	0.06	0.86	0.62	0.10	1.00	0.19	0.12	0.44	0.19	0.04	0.48	0.25	0.28	0.25	0.60	0.37	0.23	0.14	0.14
A	0.92	0.40	0.73	0.68	0.16	1.00	0.31	0.17	0.82	0.41	0.08	0.54	0.52	0.47	0.47	0.82	0.54	0.34	0.02	0.10
S	0.57	0.07	0.49	0.38	0.22	1.00	0.19	0.11	0.42	0.17	0.04	0.44	0.23	0.24	0.17	0.63	0.38	0.19	0.02	0.17
G	0.33	0.11	0.17	0.17	0.05	1.00	0.05	0.05	0.14	0.11	0.02	0.13	0.14	0.08	0.05	0.26	0.15	0.11	0.00	0.04
S	0.78	0.11	0.44	0.44	0.32	1.00	0.17	0.20	0.49	0.38	0.10	0.35	0.39	0.28	0.22	0.85	0.50	0.35	0.12	0.18
G	0.40	0.13	0.15	0.15	0.08	1.00	0.05	0.17	0.15	0.26	0.06	0.13	0.12	0.08	0.08	0.31	0.22	0.35	0.01	0.04

GG36	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y
S	0.86	0.13	0.40	0.39	0.34	0.59	0.19	0.20	0.51	0.33	0.07	0.38	0.40	0.28	0.21	0.88	1.00	0.36	0.03	0.59
V	0.98	0.11	0.92	0.71	0.36	0.86	0.26	0.36	0.60	1.00	0.28	0.54	0.40	0.34	0.26	0.80	0.88	0.64	0.09	0.64
S	1.00	0.13	0.45	0.48	0.12	0.69	0.15	0.25	0.50	0.43	0.09	0.36	0.38	0.27	0.24	0.94	0.65	0.44	0.07	0.11
S	0.82	0.09	0.83	0.63	0.15	1.00	0.18	0.49	0.42	0.57	0.11	0.46	0.27	0.28	0.19	0.64	0.52	0.91	0.61	0.09
I	0.41	0.06	0.29	0.44	0.20	0.25	0.08	0.76	0.23	0.69	0.14	0.16	0.14	0.19	0.11	0.23	0.29	1.00	0.11	0.15
A	0.98	0.08	0.21	0.24	0.18	0.49	0.10	0.58	0.28	1.00	0.13	0.21	0.29	0.16	0.14	0.48	0.48	0.83	0.01	0.11
Q	1.00	0.14	0.72	0.73	0.10	0.72	0.30	0.16	0.85	0.32	0.08	0.50	0.39	0.58	0.53	0.79	0.55	0.33	0.03	0.11
G	0.52	0.04	0.15	0.14	0.04	1.00	0.04	0.05	0.13	0.10	0.02	0.14	0.16	0.07	0.05	0.37	0.22	0.14	0.01	0.02
L	0.23	0.04	0.06	0.08	0.49	0.12	0.05	0.57	0.17	1.00	0.24	0.07	0.08	0.07	0.09	0.13	0.18	0.64	0.06	0.21
E	0.74	0.13	0.91	0.90	0.16	1.00	0.28	0.32	0.72	0.32	0.09	0.58	0.29	0.48	0.43	0.68	0.50	0.44	0.02	0.23
W	0.17	0.04	0.13	0.13	0.51	0.10	0.20	0.11	0.19	0.37	0.05	0.12	0.10	0.11	0.20	0.16	0.11	0.13	1.00	0.54
A	1.00	0.18	0.28	0.29	0.09	0.61	0.15	0.23	0.32	0.41	0.10	0.29	0.30	0.17	0.18	0.54	0.46	0.56	0.01	0.07
G	1.00	0.10	0.22	0.26	0.22	0.59	0.12	0.60	0.37	0.71	0.15	0.22	0.61	0.20	0.24	0.57	0.59	0.93	0.01	0.18
N	0.89	0.08	1.00	0.94	0.10	0.88	0.46	0.18	0.86	0.31	0.07	0.72	0.38	0.76	0.50	0.80	0.59	0.31	0.02	0.09
N	0.73	0.06	1.00	0.77	0.11	0.80	0.58	0.17	0.73	0.43	0.07	0.74	0.34	0.51	0.32	0.66	0.44	0.27	0.22	0.10
G	0.44	0.05	0.27	0.24	0.09	1.00	0.39	0.10	0.53	0.20	0.04	0.31	0.28	0.23	0.37	0.40	0.27	0.21	0.02	0.12
M	0.85	0.12	0.24	0.25	0.25	0.69	0.13	0.62	0.53	0.67	0.26	0.26	0.38	0.19	0.28	0.48	0.46	1.00	0.01	0.10
H	0.64	0.11	1.00	0.74	0.10	0.55	0.46	0.17	0.63	0.25	0.06	0.51	0.28	0.39	0.46	0.54	0.38	0.36	0.02	0.08
V	0.34	0.05	0.08	0.10	0.10	0.16	0.04	0.61	0.12	0.47	0.09	0.07	0.10	0.06	0.06	0.16	0.23	1.00	0.00	0.05
A	0.58	0.10	0.13	0.17	0.50	0.28	0.14	0.94	0.22	0.87	0.14	0.16	0.17	0.12	0.12	0.30	0.37	1.00	0.02	0.93
N	0.72	0.16	0.55	0.38	0.10	0.69	0.29	0.16	0.62	0.20	0.05	0.76	0.32	0.22	0.23	1.00	0.61	0.24	0.02	0.10
L	0.45	0.21	0.15	0.15	0.19	0.23	0.08	0.30	0.34	1.00	0.56	0.16	0.15	0.12	0.12	0.26	0.26	0.44	0.01	0.09
S	0.67	0.17	0.22	0.20	0.07	0.56	0.09	0.09	0.32	0.12	0.04	0.29	0.33	0.12	0.16	1.00	0.54	0.18	0.03	0.05
L	0.10	0.01	0.03	0.04	0.17	0.06	0.04	0.14	0.07	1.00	0.08	0.04	0.05	0.05	0.08	0.08	0.07	0.20	0.71	0.10
G	0.25	0.01	0.10	0.09	0.03	1.00	0.02	0.02	0.07	0.04	0.01	0.09	0.07	0.04	0.02	0.19	0.10	0.07	0.00	0.02
S	0.46	0.07	0.17	0.18	0.07	1.00	0.07	0.08	0.17	0.12	0.02	0.16	0.53	0.11	0.08	0.40	0.24	0.18	0.01	0.05
P	0.62	0.06	0.39	0.35	0.13	1.00	0.13	0.13	0.31	0.17	0.04	0.29	0.54	0.17	0.16	0.53	0.40	0.26	0.01	0.13
S	0.82	0.16	0.77	0.62	0.27	1.00	0.21	0.25	0.63	0.43	0.09	0.47	0.36	0.32	0.31	0.75	0.55	0.43	0.03	0.55
P	0.69	0.08	0.74	0.58	0.16	1.00	0.22	0.17	0.39	0.27	0.06	0.44	0.39	0.26	0.15	0.71	0.43	0.32	0.06	0.14
S	0.71	0.09	0.37	0.35	0.10	1.00	0.20	0.15	0.39	0.24	0.08	0.32	0.35	0.20	0.27	0.71	0.46	0.35	0.02	0.12
A	0.99	0.12	0.75	0.73	0.21	0.73	0.35	0.23	1.00	0.45	0.09	0.52	0.78	0.51	0.65	0.90	0.77	0.46	0.10	0.27
T	0.87	0.07	0.27	0.32	0.17	0.52	0.12	0.30	0.37	1.00	0.14	0.24	0.47	0.19	0.18	0.56	0.61	0.53	0.05	0.08
L	0.45	0.07	0.13	0.18	0.32	0.29	0.07	0.32	0.17	1.00	0.14	0.12	0.16	0.12	0.08	0.26	0.32	0.51	0.04	0.14
E	0.64	0.06	0.59	0.67	0.11	0.49	0.42	0.17	1.00	0.41	0.12	0.50	0.30	0.60	0.64	0.57	0.45	0.30	0.03	0.14
Q	0.75	0.08	0.71	0.76	0.21	0.54	0.37	0.35	1.00	0.68	0.16	0.53	0.34	0.68	0.59	0.66	0.57	0.51	0.02	0.10

GG36	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y
A	1.00	0.05	0.20	0.23	0.07	0.59	0.07	0.15	0.19	0.23	0.07	0.16	0.27	0.12	0.09	0.43	0.38	0.33	0.01	0.06
V	0.50	0.13	0.13	0.14	0.56	0.27	0.08	0.53	0.20	0.77	0.16	0.13	0.16	0.10	0.13	0.30	0.31	1.00	0.05	0.17
N	0.90	0.09	1.00	0.94	0.56	0.66	0.35	0.43	0.98	0.59	0.16	0.71	0.34	0.50	0.51	0.70	0.54	0.59	0.10	0.46
S	0.73	0.11	0.56	0.55	0.45	0.57	0.47	0.20	1.00	0.58	0.09	0.54	0.32	0.43	0.91	0.63	0.46	0.33	0.17	0.94
A	1.00	0.06	0.21	0.23	0.15	0.99	0.07	0.17	0.19	0.45	0.07	0.18	0.28	0.12	0.08	0.48	0.39	0.35	0.04	0.11
T	0.54	0.10	0.18	0.21	0.49	0.28	0.14	0.56	0.39	0.60	0.14	0.21	0.19	0.18	0.24	0.38	0.52	1.00	0.19	0.65
S	0.87	0.08	0.73	0.77	0.11	0.65	0.34	0.19	1.00	0.32	0.08	0.61	0.36	0.51	0.59	0.77	0.64	0.31	0.03	0.12
R	0.73	0.09	0.45	0.55	0.10	0.50	0.35	0.15	1.00	0.35	0.10	0.42	0.39	0.50	0.86	0.68	0.45	0.28	0.09	0.10
G	0.26	0.01	0.13	0.11	0.02	1.00	0.04	0.02	0.09	0.04	0.01	0.11	0.07	0.05	0.03	0.20	0.10	0.07	0.00	0.01
V	0.56	0.12	0.15	0.15	0.16	0.33	0.07	0.54	0.24	0.51	0.10	0.17	0.19	0.10	0.12	0.44	0.40	1.00	0.01	0.07
L	0.26	0.04	0.07	0.08	0.24	0.13	0.08	0.46	0.13	1.00	0.12	0.08	0.10	0.07	0.07	0.17	0.23	0.66	0.01	0.08
V	0.40	0.08	0.11	0.12	1.00	0.22	0.10	0.57	0.18	0.82	0.13	0.14	0.16	0.10	0.10	0.28	0.31	0.95	0.06	0.55
V	0.42	0.10	0.09	0.11	0.08	0.21	0.04	0.43	0.13	0.48	0.09	0.08	0.12	0.07	0.07	0.20	0.24	1.00	0.00	0.04
A	0.71	0.38	0.15	0.17	0.50	0.40	0.10	0.39	0.21	0.46	0.08	0.16	0.22	0.12	0.20	0.42	0.37	0.76	1.00	0.18
A	1.00	0.06	0.19	0.21	0.05	0.49	0.07	0.10	0.18	0.14	0.03	0.17	0.29	0.11	0.08	0.51	0.40	0.25	0.01	0.04
S	1.00	0.08	0.20	0.22	0.06	0.52	0.07	0.13	0.21	0.18	0.04	0.20	0.30	0.12	0.10	0.59	0.45	0.28	0.01	0.05
G	0.24	0.01	0.09	0.08	0.02	1.00	0.02	0.02	0.07	0.04	0.01	0.08	0.06	0.03	0.02	0.18	0.09	0.06	0.00	0.01
N	0.51	0.05	0.75	0.47	0.08	0.55	0.40	0.12	0.70	0.18	0.04	1.00	0.21	0.25	0.18	0.64	0.43	0.17	0.01	0.11
S	0.54	0.05	0.64	0.63	0.09	1.00	0.15	0.08	0.30	0.11	0.03	0.35	0.19	0.25	0.10	0.49	0.30	0.15	0.01	0.09
G	0.32	0.02	0.19	0.15	0.04	1.00	0.06	0.04	0.15	0.07	0.01	0.19	0.10	0.07	0.04	0.27	0.15	0.10	0.00	0.05
A	0.99	0.12	0.57	0.59	0.15	0.75	0.35	0.27	0.85	0.69	0.12	0.48	1.00	0.54	0.87	0.93	0.66	0.47	0.04	0.13
G	0.76	0.16	0.57	0.55	0.43	1.00	0.31	0.18	0.53	0.40	0.07	0.48	0.34	0.39	0.36	0.74	0.51	0.31	0.03	0.44
S	1.00	0.21	0.39	0.45	0.28	0.70	0.16	0.29	0.56	0.34	0.11	0.39	0.50	0.23	0.20	0.92	0.98	0.52	0.02	0.24
I	0.37	1.00	0.13	0.13	0.40	0.31	0.14	0.38	0.20	0.57	0.10	0.15	0.18	0.11	0.16	0.31	0.25	0.66	0.02	0.35
S	0.69	0.08	0.67	0.49	0.28	1.00	0.19	0.15	0.37	0.29	0.06	0.41	0.24	0.20	0.14	0.61	0.50	0.28	0.02	0.40
Y	0.59	0.14	0.21	0.20	0.45	1.00	0.12	0.18	0.25	0.31	0.06	0.25	0.25	0.11	0.11	0.59	0.40	0.32	0.11	0.89
P	0.32	0.05	0.07	0.10	0.18	0.16	0.10	0.05	0.12	0.13	0.02	0.09	1.00	0.11	0.09	0.25	0.15	0.11	0.01	0.47
A	1.00	0.06	0.27	0.27	0.06	0.82	0.09	0.12	0.28	0.16	0.04	0.25	0.30	0.14	0.10	0.57	0.58	0.28	0.01	0.05
R	1.00	0.18	0.54	0.45	0.19	0.86	0.28	0.25	0.91	0.39	0.10	0.60	0.40	0.32	0.64	0.98	0.72	0.48	0.04	0.18
Y	0.78	0.34	0.27	0.32	0.48	0.51	0.14	0.23	0.28	0.47	0.07	0.27	0.28	0.17	0.13	0.68	0.48	0.39	0.03	1.00
A	0.79	0.09	0.47	0.48	0.16	0.49	0.18	0.50	0.51	0.49	0.15	0.35	1.00	0.27	0.32	0.62	0.50	0.60	0.02	0.08
N	0.72	0.17	0.61	0.56	0.58	0.81	0.31	0.17	0.74	0.39	0.07	0.61	0.30	0.30	0.34	0.83	0.54	0.26	1.00	0.84
A	0.76	0.12	0.16	0.18	0.10	0.40	0.08	0.44	0.23	0.47	0.09	0.17	0.23	0.11	0.10	0.46	0.60	1.00	0.08	0.09
M	0.26	0.22	0.06	0.08	0.24	0.12	0.04	0.67	0.15	1.00	0.19	0.07	0.09	0.07	0.08	0.15	0.21	0.73	0.00	0.08
A	1.00	0.11	0.26	0.26	0.09	0.65	0.11	0.18	0.40	0.21	0.06	0.30	0.35	0.17	0.15	0.88	0.98	0.36	0.02	0.06

GG36	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y
V	0.28	0.05	0.06	0.07	0.07	0.14	0.03	0.47	0.09	0.38	0.07	0.06	0.08	0.05	0.05	0.13	0.19	1.00	0.00	0.04
G	0.49	0.04	0.15	0.14	0.04	1.00	0.05	0.05	0.14	0.08	0.02	0.15	0.15	0.07	0.06	0.36	0.22	0.14	0.01	0.02
A	1.00	0.11	0.22	0.23	0.06	0.59	0.08	0.10	0.23	0.14	0.04	0.21	0.31	0.12	0.10	0.65	0.45	0.25	0.01	0.05
T	0.94	0.16	0.23	0.25	0.27	0.59	0.13	0.58	0.34	0.78	0.12	0.25	0.30	0.16	0.14	0.67	0.85	1.00	0.02	0.24
D	0.89	0.09	1.00	0.78	0.10	0.77	0.24	0.26	0.61	0.30	0.07	0.60	0.32	0.38	0.24	0.82	0.86	0.43	0.01	0.08
Q	0.97	0.13	0.70	0.83	0.42	0.74	0.40	0.40	1.00	0.80	0.15	0.56	0.55	0.75	0.58	0.98	0.72	0.60	0.11	0.21
N	1.00	0.11	0.87	0.81	0.30	0.86	0.36	0.21	0.86	0.32	0.11	0.76	0.48	0.45	0.35	0.97	0.70	0.34	0.03	0.30
N	0.41	0.03	0.45	0.34	0.08	1.00	0.13	0.07	0.28	0.14	0.02	0.31	0.22	0.15	0.11	0.35	0.22	0.14	0.09	0.13
N	0.75	0.08	0.54	0.54	0.21	0.57	0.38	0.28	1.00	0.68	0.14	0.54	0.33	0.47	0.67	0.67	0.62	0.46	0.03	0.21
R	0.43	0.08	0.15	0.17	0.16	0.25	0.25	0.56	0.82	0.87	0.19	0.20	0.22	0.24	1.00	0.38	0.38	0.83	0.04	0.07
A	1.00	0.12	0.21	0.23	0.09	0.54	0.10	0.12	0.24	0.20	0.04	0.21	0.72	0.14	0.12	0.65	0.45	0.28	0.01	0.14
S	0.78	0.14	0.49	0.43	0.41	0.62	0.21	0.16	0.47	0.34	0.06	0.40	0.52	0.23	0.39	0.92	0.58	0.30	1.00	0.50
F	0.06	0.03	0.02	0.02	1.00	0.03	0.05	0.08	0.03	0.20	0.02	0.04	0.03	0.02	0.03	0.06	0.04	0.06	0.10	0.64
S	0.73	0.14	0.27	0.24	0.09	0.61	0.10	0.11	0.34	0.31	0.05	0.31	0.35	0.14	0.16	1.00	0.58	0.22	0.03	0.06
Q	0.85	0.11	0.84	0.91	0.10	0.75	0.35	0.15	0.70	0.26	0.06	0.81	0.37	0.48	0.24	1.00	0.65	0.26	0.02	0.11
Y	0.39	0.09	0.18	0.22	0.54	0.25	0.20	0.16	0.50	0.27	0.06	0.19	0.19	0.17	0.51	0.34	0.27	0.29	0.29	1.00
G	0.28	0.58	0.12	0.10	0.03	1.00	0.04	0.04	0.09	0.05	0.01	0.11	0.08	0.04	0.03	0.24	0.12	0.09	0.00	0.04
A	0.99	0.23	0.35	0.34	0.11	0.75	0.20	0.16	0.56	0.31	0.08	0.38	1.00	0.24	0.40	1.00	0.68	0.35	0.03	0.10
G	1.00	0.90	0.56	0.66	0.20	0.99	0.23	0.32	0.58	0.44	0.09	0.45	0.40	0.39	0.37	0.98	0.69	0.72	0.21	0.21
L	0.53	0.07	0.13	0.15	0.17	0.26	0.09	0.51	0.22	0.91	0.13	0.15	0.52	0.13	0.11	0.36	0.49	1.00	0.04	0.12
D	0.49	0.19	1.00	0.81	0.16	0.45	0.19	0.17	0.36	0.83	0.11	0.43	0.18	0.30	0.11	0.39	0.30	0.26	0.05	0.08
I	0.54	0.09	0.11	0.14	0.23	0.25	0.06	0.71	0.17	0.87	0.12	0.11	0.16	0.09	0.09	0.25	0.32	1.00	0.01	0.11
V	0.87	0.16	0.21	0.22	1.00	0.49	0.12	0.44	0.35	0.69	0.22	0.25	0.30	0.14	0.16	0.70	0.72	0.89	0.03	0.39
A	1.00	0.06	0.19	0.21	0.10	0.53	0.07	0.12	0.21	0.16	0.04	0.18	0.28	0.11	0.08	0.50	0.56	0.28	0.01	0.05
P	0.30	0.05	0.06	0.09	0.22	0.13	0.08	0.05	0.11	0.12	0.02	0.08	1.00	0.09	0.08	0.23	0.14	0.10	0.01	0.33
G	0.32	0.03	0.12	0.10	0.03	1.00	0.03	0.03	0.10	0.05	0.01	0.11	0.10	0.05	0.04	0.29	0.15	0.08	0.01	0.02
V	0.89	0.12	0.38	0.43	0.12	1.00	0.17	0.34	0.40	0.47	0.09	0.35	0.33	0.31	0.17	0.81	0.65	0.86	0.02	0.11
N	0.75	0.08	0.70	0.63	0.17	1.00	0.27	0.14	0.76	0.33	0.09	0.58	0.29	0.41	0.29	0.69	0.45	0.25	0.07	0.31
V	0.29	0.05	0.07	0.09	0.19	0.13	0.04	0.91	0.15	0.59	0.12	0.08	0.09	0.06	0.08	0.15	0.24	1.00	0.03	0.08
Q	0.35	0.04	0.11	0.13	0.25	0.19	0.10	0.27	0.23	1.00	0.10	0.12	0.17	0.14	0.12	0.22	0.27	0.47	0.09	0.28
S	0.80	0.13	0.24	0.22	0.08	0.66	0.10	0.13	0.37	0.16	0.05	0.31	0.34	0.14	0.16	1.00	0.77	0.26	0.03	0.06
T	0.83	0.11	0.20	0.20	0.08	0.42	0.08	0.20	0.33	0.29	0.07	0.23	0.27	0.12	0.12	0.66	1.00	0.40	0.01	0.06
Y	0.30	0.05	0.39	0.29	0.24	0.26	0.13	0.21	0.23	0.44	0.05	0.21	0.16	0.14	0.21	0.26	0.20	0.35	1.00	0.41
P	0.46	0.06	0.19	0.19	0.23	0.29	0.14	0.41	0.27	1.00	0.11	0.20	0.63	0.17	0.14	0.35	0.33	0.52	0.05	0.20
G	0.52	0.09	0.42	0.36	0.09	1.00	0.30	0.12	0.41	0.25	0.05	0.38	0.31	0.28	0.26	0.49	0.36	0.22	0.05	0.11

GG36	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y
S	0.66	0.08	0.47	0.41	0.10	1.00	0.20	0.15	0.63	0.19	0.05	0.45	0.36	0.27	0.33	0.68	0.52	0.25	0.02	0.15
T	0.55	1.00	0.24	0.24	0.11	0.79	0.13	0.11	0.40	0.16	0.04	0.22	0.20	0.16	0.28	0.48	0.35	0.21	0.05	0.21
Y	0.34	0.10	0.10	0.10	0.51	0.17	0.10	0.13	0.19	0.26	0.05	0.15	0.13	0.08	0.07	0.32	0.52	0.21	0.05	1.00
A	1.00	0.13	0.65	0.60	0.12	0.96	0.31	0.25	0.70	0.57	0.12	0.59	0.35	0.42	0.36	0.74	0.68	0.46	0.02	0.09
S	0.91	0.13	0.36	0.39	0.33	0.66	0.18	0.40	0.74	0.66	0.19	0.40	0.35	0.27	0.27	0.92	1.00	0.59	0.03	0.41
L	0.28	0.05	0.15	0.17	0.45	0.20	0.52	0.48	0.33	1.00	0.25	0.19	0.14	0.24	0.18	0.21	0.21	0.52	0.05	0.31
N	0.79	0.13	0.37	0.31	0.13	0.74	0.17	0.15	0.47	0.20	0.06	0.44	0.34	0.22	0.19	1.00	0.75	0.26	0.03	0.11
G	0.24	0.01	0.09	0.08	0.02	1.00	0.02	0.02	0.06	0.04	0.01	0.08	0.06	0.03	0.02	0.18	0.09	0.06	0.00	0.01
T	0.54	0.06	0.15	0.13	0.06	0.26	0.07	0.15	0.29	0.15	0.05	0.19	0.18	0.09	0.09	0.51	1.00	0.26	0.01	0.04
S	0.66	0.14	0.22	0.19	0.07	0.56	0.09	0.09	0.32	0.12	0.04	0.29	0.32	0.12	0.16	1.00	0.53	0.17	0.03	0.05
M	0.54	0.04	0.12	0.15	0.25	0.26	0.07	0.31	0.42	1.00	0.83	0.12	0.17	0.15	0.15	0.29	0.30	0.52	0.01	0.07
A	1.00	0.07	0.19	0.21	0.05	0.51	0.07	0.10	0.19	0.14	0.04	0.18	0.29	0.11	0.09	0.54	0.41	0.25	0.01	0.04
T	1.00	0.33	0.22	0.23	0.08	0.54	0.09	0.17	0.32	0.22	0.06	0.25	0.32	0.13	0.12	0.74	0.89	0.35	0.01	0.06
P	0.29	0.03	0.06	0.08	0.01	0.14	0.06	0.03	0.10	0.07	0.01	0.07	1.00	0.09	0.07	0.22	0.13	0.08	0.00	0.01
H	0.20	0.04	0.18	0.20	0.22	0.15	1.00	0.13	0.24	0.66	0.08	0.25	0.15	0.31	0.19	0.17	0.13	0.23	0.01	0.19
V	0.57	0.06	0.10	0.13	0.09	0.27	0.05	0.42	0.13	0.41	0.08	0.10	0.16	0.08	0.06	0.24	0.29	1.00	0.00	0.05
A	1.00	0.10	0.19	0.21	0.07	0.50	0.07	0.14	0.21	0.18	0.04	0.19	0.29	0.11	0.09	0.55	0.51	0.36	0.01	0.07
G	0.28	0.01	0.10	0.09	0.02	1.00	0.02	0.02	0.07	0.04	0.01	0.09	0.07	0.04	0.02	0.19	0.10	0.07	0.00	0.01
A	0.61	0.10	0.13	0.15	0.15	0.34	0.07	0.55	0.19	1.00	0.15	0.13	0.19	0.10	0.09	0.31	0.34	0.97	0.01	0.09
A	1.00	0.16	0.20	0.24	0.46	0.55	0.10	0.42	0.24	0.79	0.12	0.19	0.29	0.15	0.13	0.49	0.46	0.74	0.01	0.23
A	1.00	0.06	0.18	0.21	0.07	0.56	0.07	0.14	0.18	0.31	0.06	0.16	0.28	0.11	0.08	0.46	0.42	0.32	0.01	0.04
L	0.11	0.03	0.02	0.04	0.18	0.05	0.03	0.14	0.07	1.00	0.08	0.04	0.05	0.04	0.03	0.06	0.07	0.21	0.01	0.25
V	0.36	0.04	0.08	0.10	0.25	0.17	0.05	0.38	0.13	1.00	0.14	0.08	0.12	0.08	0.06	0.18	0.22	0.58	0.01	0.21
K	0.20	0.02	0.07	0.09	0.14	0.12	0.06	0.23	0.36	1.00	0.14	0.08	0.09	0.12	0.17	0.13	0.14	0.30	0.09	0.05
Q	1.00	0.11	0.70	0.98	0.09	0.86	0.28	0.16	0.56	0.28	0.07	0.44	0.45	0.71	0.25	0.94	0.60	0.31	0.02	0.07
K	0.90	0.08	0.28	0.36	0.22	0.62	0.21	0.30	0.80	1.00	0.14	0.27	0.32	0.37	0.40	0.51	0.48	0.55	0.07	0.31
N	0.90	0.11	0.81	0.75	0.70	1.00	0.85	0.27	0.88	0.72	0.10	0.90	0.45	0.57	0.48	0.81	0.57	0.44	0.04	0.75
P	0.42	0.04	0.20	0.23	0.04	0.34	0.13	0.08	0.39	0.19	0.03	0.19	1.00	0.20	0.27	0.35	0.22	0.18	0.01	0.03
S	0.98	0.19	0.82	0.76	0.37	0.81	0.40	0.28	1.00	0.92	0.12	0.73	0.40	0.49	0.35	0.97	0.84	0.48	0.03	0.46
W	0.24	0.07	0.08	0.10	0.14	0.14	0.05	0.16	0.13	1.00	0.10	0.08	0.16	0.08	0.09	0.17	0.15	0.24	0.32	0.13
S	0.74	0.10	0.31	0.28	0.08	0.54	0.12	0.16	0.47	0.24	0.06	0.33	0.31	0.17	0.21	0.84	1.00	0.29	0.02	0.06
N	0.55	0.05	0.21	0.22	0.08	0.36	0.13	0.11	0.24	0.22	0.03	0.22	0.89	0.15	0.19	0.42	0.28	0.26	1.00	0.06
V	1.00	0.11	0.48	0.49	0.13	0.64	0.28	0.25	0.80	0.34	0.08	0.39	0.48	0.38	0.91	0.79	0.61	0.52	0.04	0.15
Q	0.81	0.05	0.94	1.00	0.15	0.65	0.31	0.19	0.55	0.41	0.12	0.46	0.32	0.76	0.24	0.56	0.46	0.31	0.01	0.08
I	0.38	0.05	0.09	0.11	0.15	0.18	0.05	0.60	0.17	1.00	0.21	0.09	0.13	0.08	0.08	0.18	0.24	0.95	0.00	0.06

GG36	A	C	D	E	F	G	H	I	K	L	M	N	P	Q	R	S	T	V	W	Y
R	0.44	0.34	0.27	0.40	0.18	0.28	0.29	0.17	0.94	0.35	0.08	0.23	0.26	0.59	1.00	0.41	0.33	0.26	0.04	0.13
N	1.00	0.11	0.80	0.78	0.21	0.75	0.90	0.19	0.91	0.32	0.09	0.64	0.42	0.64	0.54	0.82	0.63	0.35	0.03	0.38
H	0.52	0.06	0.18	0.24	0.22	0.27	0.21	0.43	0.43	1.00	0.12	0.17	0.21	0.24	0.42	0.32	0.32	0.59	0.02	0.16
L	0.20	0.03	0.05	0.07	0.15	0.10	0.04	0.37	0.11	1.00	0.13	0.06	0.08	0.06	0.06	0.12	0.18	0.47	0.00	0.05
K	0.60	0.08	0.33	0.44	0.19	0.37	0.17	0.56	0.94	0.90	0.27	0.29	0.24	0.34	0.36	0.45	0.48	1.00	0.01	0.12
N	0.74	0.10	0.51	0.55	0.24	0.55	0.41	0.21	1.00	0.59	0.14	0.52	0.34	0.50	0.66	0.74	0.65	0.35	0.20	0.33
T	0.66	0.08	0.22	0.20	0.15	0.40	0.14	0.20	0.49	0.48	0.09	0.29	0.25	0.15	0.28	0.65	1.00	0.33	0.02	0.15
A	1.00	0.10	0.22	0.22	0.06	0.57	0.08	0.12	0.22	0.16	0.04	0.21	0.30	0.12	0.09	0.59	0.48	0.28	0.01	0.05
T	0.80	0.10	0.51	0.51	0.20	0.50	0.26	0.39	0.96	0.54	0.12	0.43	0.36	0.37	0.61	0.77	1.00	0.67	0.03	0.21
S	0.75	0.10	0.56	0.53	0.21	0.55	0.28	0.20	1.00	0.41	0.11	0.43	0.97	0.38	0.69	0.70	0.52	0.36	0.14	0.30
L	0.38	0.03	0.24	0.21	0.26	0.50	0.09	0.30	0.25	1.00	0.14	0.20	0.13	0.12	0.11	0.26	0.24	0.42	0.01	0.11
G	0.61	0.06	0.46	0.40	0.10	1.00	0.23	0.18	0.43	0.25	0.05	0.38	0.48	0.25	0.22	0.52	0.34	0.39	0.05	0.14
S	0.84	0.23	0.47	0.41	0.52	0.55	0.25	0.55	0.54	0.61	0.11	0.44	0.48	0.24	0.30	0.73	0.65	1.00	0.03	0.37
T	0.96	0.13	0.62	0.53	0.12	1.00	0.28	0.28	0.67	0.48	0.10	0.54	0.89	0.32	0.33	0.98	0.64	0.51	0.02	0.08
N	0.74	0.12	0.45	0.42	1.00	0.60	0.89	0.29	0.85	0.78	0.11	0.55	0.47	0.46	0.64	0.78	0.61	0.44	0.24	0.47
L	0.69	0.08	0.43	0.42	0.54	1.00	0.28	0.23	0.54	0.77	0.12	0.33	0.27	0.32	0.39	0.57	0.41	0.37	0.03	0.53
Y	0.36	0.15	0.15	0.20	1.00	0.22	0.20	0.18	0.26	0.41	0.07	0.17	0.16	0.28	0.13	0.36	0.34	0.26	0.07	0.99
G	0.30	0.02	0.11	0.10	0.03	1.00	0.03	0.05	0.11	0.09	0.02	0.10	0.22	0.06	0.05	0.22	0.12	0.13	0.00	0.01
S	0.61	0.10	0.39	0.30	0.90	0.44	0.43	0.17	0.58	0.33	0.06	0.53	0.24	0.23	0.23	0.59	0.42	0.25	0.48	1.00
G	0.27	0.02	0.11	0.10	0.04	1.00	0.03	0.05	0.13	0.15	0.02	0.09	0.08	0.05	0.05	0.20	0.11	0.12	0.00	0.05
L	0.18	0.02	0.07	0.09	0.14	0.10	0.10	0.22	0.21	1.00	0.11	0.07	0.08	0.09	0.17	0.12	0.12	0.33	0.01	0.07
V	0.38	0.04	0.11	0.12	0.14	0.18	0.06	0.48	0.16	1.00	0.18	0.09	0.12	0.09	0.07	0.18	0.22	0.78	0.00	0.05
N	0.52	0.07	1.00	0.71	0.49	0.50	0.34	0.15	0.67	0.23	0.05	0.69	0.21	0.36	0.29	0.52	0.38	0.21	0.03	0.81
A	1.00	0.08	0.28	0.27	0.13	0.54	0.14	0.30	0.31	0.62	0.10	0.31	0.44	0.16	0.12	0.55	0.47	0.62	0.01	0.13
E	0.59	0.06	0.36	0.40	0.21	1.00	0.15	0.15	0.47	0.44	0.08	0.29	0.22	0.22	0.19	0.47	0.36	0.28	0.09	0.28
A	1.00	0.08	0.42	0.43	0.16	0.72	0.20	0.17	0.83	0.33	0.07	0.40	0.34	0.28	0.51	0.64	0.52	0.35	0.03	0.20
A	1.00	0.06	0.26	0.28	0.24	0.63	0.11	0.25	0.33	0.70	0.28	0.21	0.34	0.20	0.14	0.51	0.44	0.45	0.09	0.09
T	0.50	0.07	0.17	0.20	0.16	0.39	0.08	0.45	0.22	0.57	0.09	0.14	0.16	0.14	0.09	0.29	0.33	1.00	0.04	0.18
R	0.73	0.07	0.76	0.77	0.19	0.60	0.37	0.21	1.00	0.41	0.12	0.56	0.38	0.59	0.46	0.64	0.59	0.39	0.02	0.14

Table 3

	GG36	CB min	Cbmin*m + b
1	A	29.79	4.218
2	Q	26.66	3.732
3	S	23.77	3.284
4	V	23.79	3.287
5	P	18.20	2.421
6	W	19.66	2.647
7	G	16.88	2.216
8	I	19.39	2.605
9	S	22.76	3.127
10	R	19.29	2.590
11	V	18.36	2.445
12	Q	23.87	3.300
13	A	21.38	2.915
14	P	25.94	3.621
15	A	27.85	3.916
16	A	25.91	3.617
17	H	27.07	3.796
18	N	31.40	4.467
19	R	31.41	4.469
20	G	31.23	4.441
21	L	27.66	3.887
22	T	26.48	3.704
23	G	23.93	3.309
24	S	28.47	4.013
25	G	27.13	3.806
26	V	23.32	3.215
27	K	22.40	3.072
28	V	17.70	2.343
29	A	15.74	2.040
30	V	11.71	1.415
31	L	9.83	1.124
32	D	7.03	0.690
33	T	6.58	0.621 A
34	G	10.71	1.260
35	I	13.43	1.682
36	S	15.03	1.929
37	T	19.87	2.680
38	H	18.22	2.424
39	P	23.54	3.249
40	D	21.01	2.856
41	L	18.25	2.429
42	N	22.75	3.127
43	I	18.66	2.493
44	R	22.22	3.044
45	G	20.58	2.790
46	G	18.02	2.393

D

S T

	GG36	CB min	Cbmin*m + b						
47	A	17.27	2.277						
48	S	15.44	1.993						
49	F	12.05	1.467						
50	V	11.61	1.399						
51	P	14.93	1.913						
52	G	17.28	2.279						
53	E	14.46	1.841						
54	P	19.76	2.663						
55	S	17.59	2.327						
56	T	15.89	2.062						
57	Q	15.95	2.072						
58	D	11.11	1.322						
59	G	11.86	1.438						
60	N	7.41	0.749	A	D	G	K	N	S
61	G	9.19	1.024						
62	H	4.56	0.307				H		
63	G	7.83	0.813			G			
64	T	11.86	1.438						
65	H	9.84	1.126						
66	V	8.55	0.926		C				
67	A	12.95	1.607						
68	G	15.05	1.933						
69	T	13.08	1.627						
70	I	15.30	1.972						
71	A	18.53	2.473						
72	A	18.96	2.539						
73	L	23.52	3.245						
74	N	26.48	3.704						
75	N	27.50	3.862						
76	S	30.50	4.328						
77	I	25.89	3.614						
78	G	22.63	3.108						
79	V	17.36	2.292						
80	L	20.84	2.830						
81	G	18.07	2.401						
82	V	18.08	2.403						
83	A	20.47	2.773						
84	P	22.98	3.161						
85	S	26.02	3.633						
86	A	20.70	2.808						
87	E	22.82	3.137						
88	L	17.99	2.388						
89	Y	17.79	2.358						
90	A	14.48	1.844						
91	V	13.45	1.685						
92	K	11.89	1.443						
93	V	7.87	0.819						V
94	L	5.94	0.520				L		
95	G	9.34	1.048						
96	A	10.83	1.278						
97	S	8.91	0.981			G			

	GG36	CB min	Cbmin*m + b				
98	G	4.98	0.371		G		
99	S	5.48	0.450 A		G	K	S T
100	G	5.14	0.397 A		G		
101	S	7.34	0.737 A				S T
102	V	6.71	0.640 A	D E	G	L	S T V Y
103	S	10.41	1.214				
104	S	8.74	0.954		G		
105	I	5.63	0.473			I L	V
106	A	10.33	1.202				
107	Q	12.52	1.541				
108	G	11.68	1.411				
109	L	11.87	1.440				
110	E	15.52	2.006				
111	W	16.01	2.082				
112	A	15.72	2.036				
113	G	18.84	2.520				
114	N	20.61	2.794				
115	N	21.16	2.879				
116	G	22.85	3.142				
117	M	18.86	2.523				
118	H	22.17	3.036				
119	V	17.56	2.322				
120	A	14.02	1.772				
121	N	11.59	1.396				
122	L	8.78	0.960			L	
123	S	5.62	0.471 A		G		S T
124	L	5.04	0.381			L	W
125	G	4.70	0.328		G		
126	S	4.80	0.345 A		G	P	S
127	P	9.44	1.063				
128	S	9.95	1.142				
129	P	11.67	1.409				
130	S	8.65	0.940		G		
131	A	14.35	1.824				
132	T	11.20	1.336				
133	L	8.21	0.873			L	
134	E	13.16	1.640				
135	Q	14.88	1.906				
136	A	12.02	1.464				
137	V	12.55	1.545				
138	N	17.07	2.245				
139	S	17.36	2.290				
140	A	15.61	2.019				
141	T	18.34	2.443				
142	S	21.93	2.999				
143	R	21.23	2.891				
144	G	22.33	3.060				
145	V	17.90	2.374				
146	L	18.43	2.457				
147	V	13.94	1.761				
148	V	12.28	1.503				

	GG36	CB min	Cbmin*m + b					
149	A	9.22	1.030					
150	A	4.22	0.254 A		G		P	S T
151	S	8.11	0.857 A					
152	G	4.68	0.326		G			
153	N	5.10	0.391 A	D E	G H	K	N	S T
154	S	9.44	1.064					
155	G	11.06	1.314					
156	A	12.87	1.595					
157	G	15.00	1.925					
158	S	14.51	1.849					
159	I	10.79	1.272					
160	S	7.50	0.762		G			
161	Y	8.29	0.886		G			Y
162	P	8.39	0.901				P	
163	A	9.26	1.035					
164	R	13.23	1.650					
165	Y	13.44	1.684					
166	A	18.83	2.519					
167	N	17.11	2.252					
168	A	12.96	1.609					
169	M	14.54	1.854					
170	A	11.64	1.404					
171	V	9.74	1.109					
172	G	9.49	1.071					
173	A	8.90	0.980 A					
174	T	14.72	1.882					
175	D	13.81	1.741					
176	Q	16.46	2.151					
177	N	19.02	2.548					
178	N	19.77	2.664					
179	N	18.15	2.413					
180	R	14.74	1.884					
181	A	10.60	1.243					
182	S	11.70	1.414					
183	F	8.20	0.871		F			
184	S	9.57	1.084					
185	Q	8.97	0.990				S	
186	Y	13.55	1.700					
187	G	15.66	2.027					
188	A	18.16	2.414					
189	G	15.92	2.067					
190	L	13.68	1.720					
191	D	15.47	1.998					
192	I	15.26	1.965					
193	V	13.46	1.686					
194	A	12.78	1.581					
195	P	13.36	1.671					
196	G	8.92	0.983		G			
197	V	10.25	1.189					
198	N	11.15	1.328					
199	V	9.53	1.078					

	GG36	CB min	Cbmin*m + b
200	Q	13.84	1.746
201	S	11.68	1.411
202	T	15.27	1.967
203	Y	13.09	1.629
204	P	14.14	1.792
205	G	18.52	2.470
206	S	21.32	2.904
207	T	17.78	2.356
208	Y	16.00	2.080
209	A	11.20	1.335
210	S	10.13	1.170
211	L	5.56	0.462
212	N	5.22	0.409 A
213	G	3.99	0.218 A
214	T	4.71	0.329 A
215	S	4.12	0.239 A
216	M	6.72	0.642
217	A	8.65	0.941 A
218	T	7.95	0.832 A
219	P	11.11	1.322
220	H	13.46	1.687
221	V	13.27	1.656
222	A	13.63	1.712
223	G	16.90	2.219
224	A	18.41	2.454
225	A	18.33	2.441
226	A	20.39	2.760
227	L	23.16	3.189
228	V	23.41	3.228
229	K	24.02	3.323
230	Q	26.78	3.750
231	K	28.47	4.012
232	N	28.93	4.084
233	P	30.42	4.315
234	S	32.37	4.617
235	W	27.42	3.849
236	S	26.75	3.746
237	N	21.75	2.971
238	V	24.15	3.343
239	Q	26.53	3.712
240	I	22.19	3.040
241	R	19.82	2.672
242	N	24.09	3.334
243	H	24.69	3.427
244	L	19.49	2.620
245	K	20.48	2.775
246	N	25.57	3.564
247	T	24.77	3.439
248	A	20.35	2.755
249	T	22.55	3.096
250	S	24.27	3.362

	H	I	L			V
G			K	N		S T
G						
						S T
G			K	N P		S T
			L M			
						T

	GG36	CB min	Cbmin*m + b
251	L	20.21	2.733
252	G	23.36	3.220
253	S	21.15	2.878
254	T	21.46	2.926
255	N	19.57	2.633
256	L	17.37	2.292
257	Y	17.33	2.287
258	G	17.43	2.302
259	S	20.10	2.715
260	G	18.89	2.528
261	L	18.35	2.444
262	V	16.86	2.213
263	N	22.33	3.062
264	A	21.22	2.890
265	E	26.13	3.650
266	A	25.91	3.617
267	A	23.20	3.196
268	T	25.85	3.607
269	R	30.12	4.269

Table 4

amino acid #	61	118	119	120	122	151	203	210	219	220	288	291	292	315	321	342	345	348
<i>E. cloacae</i>	L	L	Q	V	D	N	R	V	A	Y	S	A	L	T	F	S	N	R
<i>A. sobria</i>	I	L	Q	F	D	N	S	V	A	Y	P	S	L	T	F	N	I	R
<i>E. coli</i>	L	L	Q	I	D	N	R	V	A	Y	S	A	L	T	F	S	N	R
<i>O. anthropi</i>	I	L	Q	F	D	N	S	V	A	Y	S	A	L	T	F	N	I	R
<i>P. aeruginosa</i>	I	L	Q	F	D	N	G	V	G	Y	T	A	L	T	F	N	N	R
<i>S. enteritidis</i>	L	L	Q	V	D	N	K	V	S	Y	N	A	L	T	F	N	N	R
<i>Y. enterocolitica</i>	L	L	Q	L	D	N	K	V	A	Y	N	A	L	T	F	N	N	R
IRL1.8.1								P										
IRL1.8.4	M						A											
IRL1.8.5	M							P										
IRL1.8.10					E					N						N	P	
IRL1.8.11										N						I		
IRL1.8.14																		
IRL1.8.23		K								N	A							
IRL1.8.24										N								
IRL1.8.25																		
IRL1.6.1											T						K	
IRL2.8.1																		
IRL2.8.3											T					I		
IRL2.8.4				F				G			N							
IRL2.8.6																		
IRL2.8.7																		
IRL2.8.8				F							N					I		
IRL2.8.9				F														
IRL2.8.12																		
IRL2.8.13				F												I		
IRL2.8.14																		
IRL2.8.17																I		
IRL2.8.29							K											
IRL2.3.4																		
IRL2.3.5				I			K											
IRL2.3.6				F														